

Figure 1 : Séquence illustrant la voie de synthèse de la cystéine et des dérivés soufrés (glutathion et méthionine).

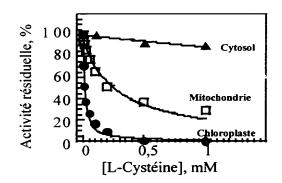


Figure 2 : Effet de la cystéine sur les activités sérine acétyltransférase de pois (*Pisum sativum*).

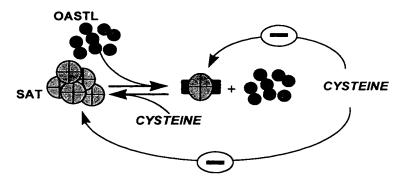


Figure 3 : Modèle de l'inhibition de la serine acetyltransferase chloroplastique.

No	М	<u> </u>	ų.	C	I	D		С	P(T	G	М	T1	2	D	D	18	
D	ATG	GCA	ACA	TGC	ATA	GAC	ACA	TGC	CGA	ACC	GGT	AAT	ACC	CAA	GAC	GAT		48
GAT TCC CGG TTC TGT TGC ATC AAG AAT TTC TT CGG AGC CAC CAC CAC CAC CAC CAC CAC CAC CAA ATC GAA GAT GAC GAC CAA ATC GAA GAT GAC GAC AAC ATC GAA GAC CCAA ATC GAA GAC GAA ATC GAA GAC GAA ATC GAA CCC AAC AAC AAC CCC AAC AAC AAC TTC GAA GCC AAA TCC GAA ATC GAA ATC AAC AAC AAC TTAC TAC AAC ACC AAC AAC <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td>-</td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td>G</td> <td>F</td> <td>S</td> <td>3 4</td> <td></td>							-							G	F	S	3 4	
V N		_		TTC	TGT	TGC	ATC	AAG	AAT	TTC	TTT	ÇGA	CCC	GGT	TTC	TCT		96
STA AAC CGG AAG ATT CAC CAC				_						I	Ξ	D	D	D	D	Α	4.5	
N							CAC	ACC	CAA	ATC	GAA	GAT	GAC	GAT	GAT	GTC		144
Teg ATC AAG ATG CTT GAA GAC GCC AAA TCC GAT GTT AAA CAA GAA CCC CAT CAT		-													E	P	€ 4	
T		ΔΤΟ			_			GCC	AAA	TCC	GAT	GTT	AAA	CAA	GAA	CCC		192
TTA TCA AAC	7																30	
S	_ Δ T T T					TAC	TAC	GCT	TCG	ATC	ACA	TCT	CAT	CGA	TCT	TTA		240
GAG TCT GCT TTA GCT CAC ATC CTC CTC GTA AAG CTC AAG CTC AGC AAC CTC AAC CTC TC GAA CTG TTC GAA CTG GAA CTG GAA CTG GAA CTG GAA CTG CTG AAC CAC AAC CAC AAC CAC AAC CAC CAC AAC CAC CAC AAC CAC CAC AAC CAC					-		-	L	S	\vee	K	L	S	N	L	N	36	
The color of the		-					ATC	CTC	TCC	GTA	AAG	CTC	AGC	AAT	TTA	AAC		288
CTA CCA AGC ACA CTC TTC GAA CTG TTC CAG AGC CAT GAT CAT CAT <td></td> <td></td> <td>_</td> <td></td> <td></td> <td></td> <td></td> <td>Ξ</td> <td>L</td> <td>F</td> <td>Ι</td> <td>S</td> <td>∇</td> <td>L</td> <td>\mathbf{E}</td> <td>Ε</td> <td>112</td> <td></td>			_					Ξ	L	F	Ι	S	∇	L	\mathbf{E}	Ε	112	
S	СТА			-	_				CTG	TTC	ATA	AGC	GTT	TTA	GAA	GAA		336
AGC CCT GAG ATC ATC GAA TCC ACG AAG CAA GAA CCT AAA 384 E R D P A C I S Y V H C F L G F L44 432 GAA AGA GAC CCA GCT TGT ATA AGC TAC GTT CAT TGC AA H T L W 180 AAA GGC TTC CGC TGT CAA GGT CAT GGT CAT ACC CTC TGG AAA AAC AGC CAT CGA ACA AAA ACG CAT CGA CAT CAT CCA CAT ACC CTC TGG ACA	S						S	T	ĸ	Q .	D	L	I	A	Λ	K	125	
E R D P A C I S Y V H C F L G F 144 GAA AGA GAC CCA GCT TGT ATA AGC TAC GTT CAT TGC TTC TTG GGC TTC 432 K G F L A C Q A H R R I A H T L W 160 AAA GGC TTC CTC GCT TGT CAA GCT CAT CGA ATA GCT CAT ACC CTC TGG 480 K Q N R K I V A L L I Q N R V S 176 AAA CAG AAC AGA AAA ATC GTA GCT TTA TTG ATC CAA AAC AGA GTA TCA 528 E S F A V D I H P G A K I G G AGG GG G			_			GAA	TCC	ACG	AAG	CAA	GAT	CTT	ATA	GCA	GTC	AAA		384
GAA AGA GAC CCA GCT TGT ATA AGC TAC GTT CAT TGC TTG GGC TTC K G F L A C Q A H R I A GCT CAT CAT CCT TGG GAC TTC AAA GGC TTC CTC GCT TGT CAA GCT CAT CGA ATA GCT CAT ACC CTC TGG 480 K Q N R K I V A L L I Q N R V S 176 AAA CAG AAC AGA AAA ATC GTA GCT TTA TTG ATC CAA AAC AAC AGA GTA TCA E S F A V D I H P G A K I G G GAT ATT CAT CCC GGA GCG AAG ACC GCG GTG GAT ATT CAT CCC GGA GCG AAG ACC AGA AAC AGA GAA AAC AGA GAT ATT CAT CCC GGA GCG AGA ACC GCG GTG GAT ATT CAT CCC GGA GCG AGA ACC GCG GTG GAT ATT CAT CCC GGA GCG GAG ACC GCG GTG GAT ATT CAT CAT CCC GGA GCG GAG ACC GCG GTG GAT ATT CAT CAT CCC GGA GCG GAG ACC GCG GTG GAT ATT CAT CAT CCC GGA GCG GAG ACC GCG GTG GAT ACC CCC GAC AAC ACC ACC GCA GCG GTG GAT ACC ACC GCA GAC ACC ACC GCA GAC ACC ACC							-		¥			C	F	L	G	F'	144	
N	_			-			ATA	AGC	TAC	GTT	CAT	TGC	TTC	TTG	GGC	TTC		432
AAA GGC TTC CTC GCT TGT CAA GCT CAT CGA ATA GCT CAT ACC CTC TGG 480 K Q N R K I V A L L I Q N R V S 176 AAA CAG AAC AGA AAA ATC GTA GCT TTA TTG ATC CAA AAC AGA GTA TCA 528 E S F A V D D I H P G A K I G G AAA GGG 132 GAA TCT TTC GCC GTC GAT ATT CAT CCC GGA GCG AAG ACC GGA AAA GGG 576 L L L D D H A T G V V I G E T A V 248 ATT CTT TTA GAC CAT GCG ACG GGC GTG GTG GTG GTG GTG GGG ACG GCG GTG 624 GTT GGA GAC AAT GTT TCG ATT CTA CAC GGA GTG ACC TTG GGA GAC ACA 664 GTT GGA GAC AAT GTT TCG ATT CTA CAC GGA GTG ACC TTG GGA GGA ACA 672 GTT GGA GAC AAT GTT TCG ATT CTA CAC GGA GTG ACC TTG GGA GGA ACA 672 GTT GGA GAC AAT GTT TCG ATT CTA CAC GGA GTG ACC TTG GGA GGA ACA 672 GTT GGA GAC AAT GTT TCG ATT CTA CAC GGA GTG ACC TTG GGA GGA ACA 672 GTT GGA GAC AAT GTT TCG ATT CTA CAC GGA ATT GGT GAT GGT GTG TTG 720 ATT GGA GCT GGG AGT TGT ATA TTG GGG AAT ATA ACA ATC GGT GTG TTG 720 ATT GGA GCT GGG AGT TGT ATA TTG GGG AAT ATA ACA ATC GGT GAG GGA 768 A K I G S G S V V V K B D V P A R C 768 GCT AAG ATT GGA TCA GGG TCG GTG GTG GTT AAG GAT GTG CCG GCG CGT 281 ACC ACG GCG GTT GGA AAT CCG GCG GTG GTG GTT GTT GTT CTG TTG TT						C	0	A	Н	R	I	A	H	T	L	Ŵ	180	
R Q N R K I V A L L I Q N R V S 176 AAA CAG AAA AAC GTA GCT TTA TTG AAC AAA AGG GTA 528 E S F A V D I H P G A K I G K G 132 GAA TCT TTC GCC GTC GAT ATT CAT CCC GGA GCG AAA ATC GGA AAA GGG GCG GTG GCG CCG GCG GCG		-	_	_		TGT		GCT	CAT	CGA	ATA	GCT	CAT	ACC	CTC	TGG		480
AAA CAG AAC AGA AAA ATC GTA GCT TTA TTG ATC CAA AAC AGA GTA TCA E S F A V D I H P G A K I G K G 132 GAA TCT TTC GCC GTC GAT ATT CAT CCC GGA GCG AAG ATC GGA AAA GGG 576 L L D D H A T G V V I G G E T A V 238 ATT CTT TTA GAC CAT GCG ACG GCC GTG GTG ATC GGA GAG ACG GCG GTG 624 V G D N V S I L H G V I L G G T GGA GCG GTG GTG GTG GTG GTG GAT GGA GAC ACA GGG GCG GTG 624 GTT GGA GAC AAT GTT TCG ATT CTA CAC GGA GTG ACC TTG GGA GGA ACA 672 GTT GGA GAC AAT GTT TCG ATT CTA CAC GGA GTG ACC TTG GGA GGA ACA 672 G K Q S G D R H P K I G D G V L 140 GGG AAA CAG AGT GGT GAT CGG CAT CCG AAG ATT GGT GAT GGT GTT TTG 720 ATT GGA GCT GGG AGT TGT ATA TTG GGG AAT ATA ACA ATC GGT GAG GGA ACA 768 A K I G S G S V V V V K D V P A R C T GGT GAG GGA ACA 768 GCT AAG ATT GGA TCA GGG TCG GTG GTG GTT AAG GAT GTG CCG GCG CGT 816 ACG ACG GCG GTT GGA AAT CCG GCG AGG TTG ATT GGT GGT GGG AAA GAA GAG AAT 864 ACG ACG GCG GTT GGA AAT CCG GCG AGG TTG ATT GGT GGT GGG AAA GAA GAG AAT 864 P R K H D K I P C L T M D Q T S 304 CCG AGA AAA CAT GAT AAG ATT CCT TGT CTG ACT ATG GAC CAG ACA TCG 912										L	I	Q	Ν	R	V	S	176	
E S F A V D I H P G A K I G K G 132 GAA TCT TTC GCC GTC GAT ATT CAT CCC GGA GCG AAA GGG 576 I L L D H A I G V V I G E I A V 208 E I A V 208 GCG GCG <td< td=""><td></td><td></td><td>_</td><td></td><td>AAA</td><td>ATC</td><td>GTA</td><td>GCT</td><td>TTA</td><td>TTG</td><td>ATC</td><td>CAA</td><td>AAC</td><td>AGA</td><td>GTA</td><td>TCA</td><td></td><td>528</td></td<>			_		AAA	ATC	GTA	GCT	TTA	TTG	ATC	CAA	AAC	AGA	GTA	TCA		528
GAA TCT TTC GCC GTC GAT ATT CAT CCC GGA GAG AAA GGG 576 I L L D H A I G V V I G E I A V 408 ATT CTT TTA GAC CAT GCG ACG GGG GTG GTG ATC GGA ACG GCG GTG ATC GGA ACG GCG GTG ATC GGA ACG GCG GCG GCG GCG GTG GCC GCG GCG GCC GGA GCC GGA ACC TTG ACC GGA GCC TTG ACC GGA GCC TTG ACC GGA GCC TTG ACC GGA GCC TTG ACC GGA ACC TTG ACC GGA ACC ACC GGA ACC TTG ACC G							_		P	G	A	ĸ	Ξ	G	K	G	192	
1 L L D H A T G V V T G E T A V 408 ATT CTT TTA GAC CAT GCG ACG GGC GTG GTG ATC GGA GAG ACG GCG GTG ATC GGA ACG ACG GGA ACG GGG ACG GGG ACG GGG ACC TTG GGA ACA ACA GC2 GGA ACC TTG GGA ACA ACA GC2 GGA ACC TTG ACA GC2 GGA ACA GC2 GCA CCG AGA ATT GGA ACA ACA <td< td=""><td>GAA</td><td>_</td><td>TTC</td><td>GCC</td><td>GTC</td><td>GAT</td><td>ATT</td><td>CAT</td><td>CCC</td><td>GGA</td><td>GCG</td><td>AAG</td><td>ATC</td><td>GGA</td><td>AAA</td><td>GGG</td><td></td><td>576</td></td<>	GAA	_	TTC	GCC	GTC	GAT	ATT	CAT	CCC	GGA	GCG	AAG	ATC	GGA	AAA	GGG		576
V G D N V S I L H G V T L G G T C21 GTT GGA GAC AAT GTT TCG ATT CTA CAC GGA GTG ACC TTG GAC TTG ACC TTG GTT GGA GAC ACC GGA GGA ACC TTG GGA ACC TTG GAC GTT GGA GGA ACC TTG GAC GTT GGA ACC TTG GAC GAC GAC ACC AAC ATT GGA ACC AAC ATT GGA ACC AAC ACC GGA ACC AAC ACC ACC ACC GGA ACC CCC ACC ACC GGA ACC CCC ACC ACC CAC ACC CAC ACC CAC ACC ACC ACC ACC ACC ACC <th< td=""><td>-</td><td></td><td>L</td><td>D</td><td>Н</td><td>Ā</td><td>T</td><td>G</td><td>Ų.</td><td>V</td><td>Ξ</td><td>G</td><td>Ξ</td><td>T</td><td>A</td><td>V</td><td>2.0A</td><td></td></th<>	-		L	D	Н	Ā	T	G	Ų.	V	Ξ	G	Ξ	T	A	V	2.0A	
V G D N V S I L H G V T L G T 221 GTT GGA GAC AAT GTT TCG ATT CTA CAC GGA GTG ACA ACA 672 G K Q S G D R H P K I G D G V L 140 G GGG AAA CAG AGT GGT GAT CGG CAT CCG AAG ATT GGT GTT GTG 720 ATT GGA AGT GGT GAT CTG CAG CAT CTG AAG ATT GGT GTG TTG ATT ATT ATT ACA ATT ACA ATT GGT GGT GGA ACA ATT CTG GGT AAA ATT ACA ATT AAA	ATT	CTT	TTA	GAC	CAT	GCG	ACG	GGC	GTG	GTG	ATC	GGA	GAG	ACG	GCG	GTG		624
GTT GGA GAC AAT GIT TCG ATT CTA CAC GGA GTG ACT GGT GAG GAG GAG AAA CAG AGT GGT GAT CGG CAT CCG AAG ATT GGT GAT GGT GTG TTG 720 GGG AAA CAG AGT GGT GAT CGG CAT CCG AAG ATT GGT GAT GGT GTG TTG 720 ATT GGA GCT GGG AGT TGT ATA TTG GGG AAT ATA ACA ATC GGT GAG GGA 768 A K I G S G S V V V V K D V P A R C GCT AAG ATT GGT CCG GCG CGT 816 GCT AAG ATT GGA TCA GGG TCG GTG GTG GTT AAG GAT GTG CCG GCG CGT 816 T T A V G N P A R L I G G K E N 288 ACG ACG GCG GTT GGA AAT CCG GCG AGG TTG ATT GGT GGG AAA GAG AAT 864 P R K H D K I P C L T M D Q T S 304 CCC AGA AAA CAT GAT AAG ATT CCT TGT CTG ACT ATG GAC CAG ACA TCG 912 Y L T E W S D Y V I		G	D	N	V	S	_	L.	H	G	V	7	L	G	G	T	22.1	
GGG AAA CAG AGT GGT GAT CGG CAT CCG AAG ATT GGT GAT GGT GTG TTG 720 ATT GGA GCT GGG AGT TGT ATA TTG GGG AAT ATA ACA ATC GGT GAG GGA 768 A K I G S G S V V V V K D V P A R 771 GCT AAG ATT GGA TCA GGG TCG GTG GTG GTT AAG GAT GTG CCG GCG CGT 816 A K I G S G S V V V V K D V P A R 771 ACG ACG ACG GCG GTT GGA AAT CCG GCG AGG TTG ATT GGT GGT GAG AAA GAG AAT 816 A C C ACG ACA AAA CAT GAT AAG ATT CCT TGT CTG ACT ATG GAC CAG ACA TCC 912 Y L T E W S D Y V I S S ACT ATG GAC ACA TCC 912	GTT	GGA	GAC	AAT	GTT	TCG	ATT	CTA	CAC	GGA	GTG	ACC	TTG	GGA	GGA	ACA		672
GGG AAA CAG AGT GGT GAT CGG CAT CCG AAG ATT GGT GAT GGT GAT GGT GAT GGT GAT GGT GAT GGT GAT GA					G	D	3.	Ξ	P'	K	I	G	D	G	Λ	_	140	
ATT GGA GCT GGG AGT TGT ATA TTG GGG AAT ATA ACA ATC GGT GAG GGA 768 A K I G S G S V V V K D V P A R GCT AAG ATT GGA TCA GGG TCG GTG GTG GTT AAG GAT GTG CCG GCG CGT 816 T T A V G N P A R L I G G K E N 258 ACG ACG GCG GTT GGA AAT CCG GCG AGG TTG ATT GGT GGG AAA GAG AAT 864 P R K H D K I P C L T M D Q T S 304 CCG AGA AAA CAT GAT AAG ATT CCT TGT CTG ACT ATG GAC CAG ACA TCG 912 Y L T E W S D Y V I	GGG	AAA	CAG	AGT	GGT	GAT	CGG	CAT	CCG	AAG	ATT	GGT	GAT	GGT	GTG			720
ATT GGA GCT GGG AGT TGT ATA TTG GGG AAT ATA ACT ATG GGA GCT GGG AGT TGGA AAG ATT GGA AGG TCG GTG GTG GTT AAG GAT GTG CCG GCG CGT 816 T T A V G N P A R L I G G K E N 258 ACG ACG GCG GTT GGA AAT CCG GCG AGG TTG ATT GGT GGG AAA GAG AAT 864 P R K H D K I P C L T M D Q T S 304 CCG AGA AAA CAT GAT AAG ATT CCT TGT CTG ACT ATG GAC CAG ACA TCG 912 Y L T E W S D Y V I	-	G	A	G	S	0			-	-		-	-		Ξ	G	153	
GCT AAG ATT GGA TCA GGG TCG GTG GTT AAG GAT GTG CCG GCG CGT T T A V G N P A R L I G G K E N 258 ACG ACG GCG GTT GGA AAT CCG GCG AGG TTG ATT GGT GGG AAA GAG AAT P R K H D K I P C L T M D Q T S 304 CCG AGA AAA CAT GAT AAG ATT CCT TGT CTG ACT ATG GAC CAG ACA TCG Y L T E W S D Y V I 314	ATT	GGA	GCT	GGG	AGT	TGT	ATA	TTG	GGG	AAT	ATA	ACA	ATC	GGT	GAG			768
T T A V G N P A R L I G G K E N 258 ACG ACG GCG GT GGA AAT CCG GCG AGG TTG ATT GGT GGG AAA GAA AAAT 864 P R K H D K I P C L T M D Q T S 304 CCG AGA AAA CAT GAT AAG ATT CCT TGT CTG ACT ATG GAC CAG ACA TCG 912 Y L T E W S D Y V I 314 314	Ą	K	I	G	S	G	S	V	V	Λ	K	Ð	A .	Р			2 7 2	
ACG ACG GCG GTT GGA AAT CCG GCG AGG TTG ATT GGT GGG AAA GAG AAT P R K H D K I P C L T M D Q T S CCG AGA AAA CAT GAT AAG ATT CCT TGT CTG ACT ATG GAC CAG ACA TCG Y L T E W S D Y V I 314	GCT	AAG	ATT	GGA	TCA	GGG	TCG	GTG	GTG	GTT	AAG	GAT	GTG					
PRKHDKIPCC GCG AGG FIG ATT GGT GGG AGG FIG ATT GGT GGG AGG AGG AGG AGG AGG AGG AG	T	T	A	V	G	М	P	A	R	L	I	_					288	
CCG AGA AAA CAT GAT AAG ATT CCT TGT CTG ACT ATG GAC CAG ACA TCG 912 Y L T E W S D Y V I	ACG	ACG	GCG	GTT	GGA	AAT	CCG	GCG	AGG	TTG	ATT	GGT	GGG	AAA				864
Y L T E W S D Y V I	P	R	K	Н	D	K	<u>-</u>	Ρ	C								304	.
Y L T L W S D I V I	CCG	AGA	AAA	CAT	GAT	AAG	ATT	CCT	TGT	CTG	ACT	ATG	GAC	CAG	ACA	TCG		
TAT TTA ACC GAG TGG TCT GAT TAT GTG ATT TAA 945	Y	L	T	Ε	N	S	D	Y	V	I							314	
IAI IIA ACO OLO 100 101 OLL 111 OLO IIII III	TAT	TTA	ACC	GAG	TGG	TCT	GAT	TAT	GTG	ATT	TAA							945

Figure 4: Séquence nucléotidique et peptidique du gène de l'isoforme SAT 3 (L34076) d'A. thaliana

		М	2	Р	Д	G	Ξ		2.	H	Q	3	à	S	K	1.4
		ATG	CCA	CCG	GCC	GGA		CTC	CGA	CAT	CAA	TCT	CCA	TCA	AAG	42
Ε	K	Ţ,	S	S	V	Ţ	2	S	Ð	Ξ	А	Ξ	A	A	S	30
GAG	AAA	CTA	TCT	TCC	GTT	ACC	CAA	TCC	GAT	GAA	ĢСА	GAA	GCA	GCG	TCA	90
A	A	Ι	S	A	A	A	A	D	\overline{Y}	Ξ	\vec{y}	A	G	L	M	46
GCA	GCG	ATA	TCT	GCG	GCA	GCT	GCA	GAT	GCG	GAA	GCT	GCC	GGA	TTA	TGG	138
rp.	0	I	K	A	Ξ	A	3.	R	D	Α.	Ξ	A	Ξ	P	A	62
ACA	CAG	ATC	AAG	GCG	GAA	GCT	CGC	CGT	GAT	GCT	GAG	GCG	GAG	CCA	GCT	186
L	A	S	Y	L	·.	S	-	-	L	S	H	S	S	L	Ε	78
TTA	GCT		TAT	CTA	TAT	TCG	ACG	ATT	CTT	TCT	CAT	TCG	TCT	CTT	GAA	234
R	S	I	S	F	Н	L	G	7.	21	L	Ċ	S	S	-	L	94
CGA		ATC	TCG	TTT	CAT	CTA	GGA	AAC	AAG	CTT	TGT	TCC	TCA	ACG	CTT	282
L	S	${f T}$	L	L	Y	D	<u>T</u>	F	L	И	<u>m</u>	F	S	S	D	110
TTA	TCC	ACA	CTT	TTA	TAC	GAT	CTG	TTC	TTA	AAC	ACT	TTT	TCC	TCC	GAT	33 0
P	S	L	R	N	А	T	\forall	,⊇,	D	L	Ρ.	A	А	R	V	126
CCT	TCT	CTT	CGT	AAC	GCC	ACC	GTC	GCA	GAT	CTA	CGC	GCT	GCT	CGT	GTT	378
R	D	P	A	C	Ξ	S	F	S	H	1]	L	L	И	Y	K	142
CGT	GAT	CCT	GCT	TGT	ATC	TCG	TTC	TCT	CAT	TGT	CTC	CTC	AAT	TAC	AAA	426
G	F	L	A	Ξ	Q	A	Η	⊋.	IJ	S	Ħ	K	L	W	_	158
GGC	TTC	TTA	GCT	ATT	CAG	GCG	CAT	CGT	GTA	TCA	CAC	AAG	CTA	TGG	ACA	474
Q	S	R	K	P	L	A	L	A	L	H	S	R	-	S	D	174
CAA	TCA	CGG	AAG	CCA	TTA	GCA	TTA	GCT	CTA	CAC	TCA	AGA	ATC	TCC	GAT	522
V	F	А	V	D	Ξ	Η	₽	\mathbb{A} .	A	X	Ξ	G	X	G	I	190
GTA	TTC	GCT	GTT	GAT	ATC	CAT	CCA	GCA	GCG	AAG	ATC	GGA	AAA	GGG	ATA	570
L	L	D	Н	A	_	G	V_{-}		V	G	<u>=</u>	Ţ	A	V	Ξ	206
CTT	CTA	GAC	CAC	GCA	ACC	GGA	GTT	GTA	GTC	GGA				GTG		618
G	N	М	V	S	Ξ	L	Η	Η	V	-	<u>r</u>	G	G	I.	G	222
GGG	AAC	AAT	GTT	TCA	ATC	CTT	CAC								GGT	666
K	A	C	G	D	R	Η	P	K	<u> </u>	G	D	G	C	L	-	238
AAA	GCT	TGT	GGA	GAT	AGA	CAT	CCG	AAG							ATT	714 254
G	A	G	Α	T	Ţ	L	3	N	A	K	I	G	A	G	A	76 2
GGA	GCT	GGA	GCG	ACT	ATT	CTT	GGA	AAT	GTG	AAG						
K	Ā	G	A	G	S	V	I	Ĺ	Ξ	D	V	P	C	3	G	270
AAA	GTA	GGA	GCT	GGT	TCT	GTT				GAC					GGT	810 286
T	\mathcal{A}	V	G	И	₽	\mathcal{F}	3	L	V	G	G	X	Ξ	X	P	200 858
ACT	GCG	GTT	GGG	AAT		GCG							GAG	AAG	CCA	302
_	Ι	Н	D	Ξ	Ξ	C	Б	G	Ξ	5	M	D Gran	H	- 7 CM	S	906
ACG	ATT	CAT	GAT	GAG		TGT				TCG	ATG	GAT	CAT	ACT	TCA	312
E	I	, S	Ε	W	S	⋾	Y	I -	Ι.							939
TTC	ATC	TCG	GAA	TGG	TCA	GAT	TAC	ATC	ATA	TAA						333

Figure 5: Séquence nucléotidique et peptidique du gène de l'isoforme SAT3' (U30298) d'A. thaliana



М	A	. <i>E</i> .	С	I	Э	-	С	В	T	G	К	Ë	. <u>2</u>			15
ATG	GCT	GCG	TGC	ATC	GAC	ACC			ACT	GGT	AAA	CCC	CAG	ATT		45
S	Р	3	D	S	\bar{s}	<u> 5</u> .	Ħ	H	D	D		Ç	3	i*		30
TCT	CCT	CGC	GAT	TCT	TCT	AAA	CAC	CAC	GAC	GAT	GAA	TCT	GGC	TTT		90
-2	Y	M	N	Y	E	3	ĭ	Р	D	3	S [*]	S	E	N		45
CGT	TAC	ATG	AAC	TAC	TTC	CGT	TAT	CCT	GAT	CGA	TCT	TCC	TTC	AAT		135
3	n	Q	T	K	T	ĩ.	.∃.	-	R	P	·	_	Ξ			60
GGA	ACC	CAG	ACC	AAA	ACC	CTC	CAT	ACT	CGT	CCT			GAA	GAT		180
_	D	3.	D	A	Ξ	V	D	D	Ā	W	A	X	Ξ.	R		75
CTC	GAT	CGC	GAC	GCT	GAA	GTC	GAT		GTT		GCC	AAA	ATC			225
Ξ	Ξ	A	K	S	D	=	A	K	Ξ	₹.	=	7	5	E.		90
GAA	GAG	GCT	AAA	TCT	GAT				GAA			GTT	TCC	GCT		270
7,	Y	H	А	S	Ι	A	S	Q	₹	S	L	Ξ	A			105
TAT	TAT	CAC	GCT	TCG	ATT				CGT					GCG		315 120
_	A	51	T	L	S	V	K _	L	S	71	L	N	L	- CCT		360
TTG	GCG	AAT							AGC			AAT				135
3	N	Τ	L	ਤੋਂ ਹ	D	L	F	S	G	7	L	\s CDD	G	770		405
AGC	AAC	ACG							GGT				GGA V			150
P	D	I	Λ	Ξ	S	Λ	K	L	D Gran	L	L	A	GTT	X NAC		450
						GTC			GAT		C	E	L	H		165
Ξ	З.	D	Б	A	C	~	S	Y Tage	7	E CAM		_	-			495
							AGC		GTT H	R	-	A.	Ξ.	Ē		180
F	Х	G	F	L	A.	C mcm	2 C77	A CCC			7 Tr Tr					540
TTT		GGC				TGT X	CAA	ī.	CAT A	L L	L	-	Ĉ.	OAO.		195
	W	7.00	୍ଦ	D GR C	E.				GCT			_ ДТС		AAC		585
CTT	TGG V		CAG E	A	AGA	AAA	W.	D	F	я Э	i i	3	À.	К.		210
7.07		S							TTC							630
AGA	GIC	ľ	GAA	ī	L	301	D	8	A	-	A		Ÿ		•	225
አጥC	-		_			СТА			GCT	ACG		ATT	GTG	ATC		675
AIC		η T	7	V		3	Ŋ	Ы	7	S	-		'n	٠.		240
GGT	GAG							AAT	GTT	TCG	ATT	CTC	CAT	AAC		720
,	ਧਾ	L	G	G	7	3	~ <u>`</u>	O	С	-G	Ð	Īs,	r i	5		255
GTT					ACG	GGG	AAA	CAG	TGT	GGA	GAT	AGG	CAC	CCG		765
	-	G	D	G	77	I.	-	G	A	G	-	C	-	***		270
AAG	ATT	GGC	GAT	GGG	GTT	TTG	ATT	GGA	GCT	GGG	ACT	TGT	ATT	TTG		810
Ē	N	T	T	ī	Œ	Ξ	G	A	K	I	G	Ã.	G	S		285
GGG	AAT	ATC	ACG	ATT	GGT	GAA	GGA	GCT	AAG	ATT	GGT	GCG	GGG	TCG		855
7	V	L	K	D	V	₽	P'	R	T	Ţ	A	17	G	И		300
GTG	GTG	TTG	AAA	GAC	GTG	CCG	CCG	CGT	ACG	ACG	GCT	GTT	GGA	AAT		900
=	2	R	L	L	G	G	ĸ	Ð	N	P	K	_	Ξ	Ξ,		315
CCG	GCG	AGG	TTG	CTT	GGT	GGT	AAA	GAT	AAT	CCG		ACG		GAC		945
×.		Р	G	L	Ţ	М	D	Q	7	S	H	-	S	Ξ		330
AAG	ATT	CCT	GGT	TTG	ACT	ATG	GAC	CAG	ACG	TCG	CAT	ATA	TCC	GAG		990
77	S	D	7	V	-											336
TGG	TCG	GAT	TAT	GTA	ATT	TGA									1011	

Figure 6: Séquence nucléotidique et peptidique d'un gène de l'isoforme SAT 1' (L78443) d'A. thaliana.

					м	L	P	v	T	s	R	R	Н	F		10
													CAC	TTC	30	
T	м	s	L				R	s	S		P	н		N		25
ACA	ATG	TCC	CTA	TAT	ATG	CTC	CGT	TCA	TCT	TCT	CÇA	CAC	ATC	AAT		75
н	H	S	F	L	L	P	S	F	V	S	S	K	F	K		40
CAT	CAC	TCT	TTC	CTT	CTT	CCT	TCT	TTT	GTT	TCC		AAA	TTC	AAA		120
H	н	T	L	s	P	P	Р	s	P	P	P	P	P	P		55 165
CAC	CAT	ACT	TTA	TCT	CCT						CCT	CCT	CCT	CCT		70
<u>M</u>	A	A	С	I	D	T	<u></u>	R	T nom	G	X	P	Q CAC	~ አጥጥ		210
ATG										D	AAA T	S	CAG	E. C.		35
S	2	3	D	S	S	X 22.22	H	E	D CAC				GGC			255
				Y Y	TCT E	R	Y	D	D	R	S	S	F	N		100
R	Y TDC	M ATG	N										TTC	AAT		300
G	T	Q	T T	K	T	L	Н	-	3	5	L	Ŀ	Ξ	D-		115
GGA	ACC	CAG	ACC	AAA				ACT		CCT	TTG	CTT	GAA	GAT		345
7	D	R	D	A	玉	V	D	D	\mathcal{Y}	W	A	K	_	Ξ.		130
CTC	GAT	CGC	GAC	GCT	GAA	GTC	GAT	GAT	GTT	TGG	GCC	AAA	ATC	CGA		390
=	E.	ZĄ	K	S	D	Ξ	Ą	X	Ξ	P	_	V	S	ā.		145
GAA	GAG	GCT	AAA	TCT	GAT	ATC	GCC					GTT	TCC	GCT		435
ï	7	ä	A	S	ī	V	S	Q	R	3	L	Ξ	A.	A.		160 480
TAT	TAT	CAC	GCT										GCT	 		175
L	Ā.	N	-		S	V 	X	L	3	N	L	אַ איזיי	∸ CTT	CCA		525
	GCG	AAT						S	AGC G	V V	L	Q	CTT	CCA		190
S	E	<u> </u>	L	F	D Сл.т	L	F				_		GGA	AAC		570
AGC P	AAC D	ACG	V	11C	S	7	K	L	D	L	L	A	1/	2		205
CCA	U GNTP	- አጥጥ	Gmm	GAA	ጥርጥ T								GTT	AAG		615
E	3	D	P	A	0	-	S	7	У	Н	C	F	L	÷.		220
GAG	AGA	GAT				ATA	AGC	TAC	GTT	CAT	TGT	TTC	CTT	CAC		660
F	50	G	F	L	Ą	0	2	$\overline{I}\Delta$	Η	3	-	\bar{P}	Ξ	=		235
TTT	AAA	GGC	TTC	CTC	GCT	TGT	CAA	GCG		CGT		GCT	CAT	GAG		705 250
L	¥	<u>_</u>	Q	D	R	K		Ī.	Α	L	[_		ୁ	7.7.0		750
CTT									GCT				CAG	KAAC		265
R	√	S	Ε	A	F	A	V	D Cam	E mmc	H	Б Б	G	A CCT			795
AGA		TCT						GAT ∃	A A	T	A	Ţ	GCT	-		280
- -	G	700	G	I	L	L CTA	D GNC						GTG	ATC		840
ATC	GGT E	ACC	A A	AII	7	G	N	. CAI	. GC1	S	-	L	H	27		295
് സ	EAG	ACG									ATT		CAT	AAC		885
/		L	G	G		G		ু	. a	G	D	R	-	2		310
GTT	ACG	CTT	GGA	GGA	ACG	GGG		CAG	TGT	GGA	GAT	AGG	CAC	CCG		930
×	**	G	D	G	V	Ĺ.	-	G	A,	G	m	C	-	f.		325
AAG	ATT	GGC	GAT	GGG	GTI	TTG	ATI	GGA	GCT	GGG	ACT	TGI	ATT	TTG		975
	13		-	=	G	Ξ	G	A.	K	_	G	2-1	'U	55		340
GGG	AAT	ATC	ACG	ATI	GGI	GAA	GGA	GCI	' AAG	ATT	GGI	' GCG	GGG	TCG		1020
V	7	L	K	D	Ÿ.	P	<u> </u>	Ξ.	. T	T				73.73.00		355 1065
												GTT	' GGA	AAI		370
9	ÿ	. R	L	L	G	ି ପ୍ରମ		D Can	יי איז איז איז	P			∃ : С∆ጥ	GAC		1110
							. AAA	A GA1	r aat T	S	H	I ACC	CAT	Ē		385
K NAC		P	G	L newc	T T	M Parc							TCC			1155
		D D	Y GG1		ACI	AIG	JAU C	CAC	, ACC	, 100	CAI					391
₩ TCC						TGF	4								1176	
IGG	100	GWI	TUT	. 512	* 5777	· · · OF	-									

Figure 7 : Séquence nucleotidique et peptidique d'un gène de l'isoforme SAT 1 (U 22964) d'A. thaliana.

м	v	D	L	s	s	F	s	L	L	F	Α	F	s_	v	s	10	
ATG		GAT	CTA		TCC	TTT	AGC	CTC	CTT	TTT	GCT	TTC	TCC	GTC	TCT		48
L	S	F	V	Q	S	K	R	V	C	D	S	S	L	<u>s</u>	3	3.2	
CTC	TCT	TTT	GTC	CAA	TCA	AAA	AGA	GTT	TGT	GAT	TCT	TCT	TTA	TCG	TCT		96
₽	W	R	\supset	M	N	3	\supset	E	<u> </u>	5	E,	E	Ξ	G	-	= 8	
CCT	TGG	AGA	GAT	ATG	AAT	GGC	GAT	GAG	CTT	CCT	TTC		AGT	GGT	TTC		144
E	Λ	Y	A	K	G	T	Н	K	S	E	==	D	. S	11		c ÷	100
GAG	GTT	TAC	GCT	AAG	GGA		CAT			GAG	TTT		TCG		TTG		192
L	D	P	R	3	Э	₽	I	W	D	A	I	R	E	E	A.	5 C	240
CTT	GAT	CCT	CGT	TCT	GAT		ATT	TGG		GCT				GAA Y	GCT A	26	240
K	L	Ξ	Α	Ξ	K.	Ξ	£	-	L	S	3	E	L	TAT		2.0	288
	CTT			GAG		GAG		ATT		AGT		TTC G	F	.7	L	112	200
G	I	L	Α	4	0	C	Ľ.	ii.	Q CAA	A	L	GGG	TTT	GTT	CTA	-16	336
	ATC			CAT		TGT	TTA	GAG	L	A A	- TIM	0	L	L	D D	128	330
A	N	R	L	ू	N	D D	-	_	_	GCA	ΔCΔ			TTG	GAT		384
GCC	AAC			CAA	M	M	H	D	K	G	ī	0	S	S	=	144	
<u>.</u> .	D. D	Y mam	G	V GTT				_							ATT		432
3	TTT H	D	L	Q	A	F	3	D	2	D	P	A	C	L	S	130	
	CAT	GAT				TTT				GAT	CCT	GCT	TGT	CTG	TCG		480
Ϋ́	S	S	A	-	L	3	ī	K	G	Y	3	A	ī	ୁ	<u>-</u>	178	
	AGT	TCT	GCT	ATT		CAT		AAG	GGT	TAT	CAT	GCG	TTA	CAA	GCA		528
y	3	ij	A	Ξ	K	Ĺ	M	27	Ξ	9	3	K	<u>T</u>	_	77	192	
TAT	AGG	GTT	GCG	CAT	AAA	CTG	TGG	AAT	GAA	GGG	AGG	AAA	CTA	TTA	GCT		576
L	A	L	Q	3	P.	_	S	Ξ	V	F	G	I	D	=	Η	208	
CTT	GCA	TTG	CAA	AGC	CGA	ATA	AGC	GAG	GTT	TTT	GGC			ATA			624
P	Δ.	A	P.	_	G	.7	G	-	L	L	D _	H	G	-	G	-L-÷	670
CCA	GCG	GCA	AGA	ATT	GGG	GAG		ATA		TTG				ACT	GGA 	8.78	672
V	V	Ι	G	Ξ	-	$^{-3}$	V	I	G	И	G	V	S	- 7 M.C	_ TTA	240	720
GTG	GTC		GGT	GAG			GTG				GGT	GTC G	D D	ATC	H	236	720
H	G	Λ	Ξ	L	G	G	-	G	K Dac	Ξ GAA	- 7 CT				CAC	± 0 ',	768
CAT	GGT		ACT	TTA		GGA	ACC	I.	G	A	C	- GGC -∀	m m	-	f .	272	, 00
P	K	ī. n.m.n.	G	- E	G GGT	.⊤. CCN	። - ጥጥር			GCT	-		ACT	ATA	CTT		816
G	AAG N	ATA	S	T	GGI	A	G	2	M	V	A	A	G	3	L	256	
_	_	ት አጥአ	-	ATA						GTA			GGT	TCA	CTT		864
V	L	K	D	V	P	S	Н	S	V	V	A	G	N	Р	A	304	
				GTT					GTG	GTG	GCT	GGA	AAT	CCT	GCA		912
K	L	T	R	7	M	Ξ	Ξ	្ន	D	₽	S	L	A	M	X	320	
		ATC		GTC	ATG	GAA	GAG	CAA	GAC	CCG	TCT	CTA	GCA	ATG	AAA		960
H	D	А	Т	K	Ξ	F	F	3	H	Λ	Α	D	G	Ā	K	336	
CAC	GAT	GCT	ACT	AAA	GAG	TTC	TTT	CGA	CAT	GTA	GCT	GAT			AAA		1008
G	Ä	Q	S	N	·3	ō	S	L	5	Æ,	G	D	T	Ξ.	K	352	1056
GGG	GCA	CAA	TCT	AAC	GGA	CCA	TCA	CTT	TCA	GCA	GGA	GAT	ACA	GAG	AAA		1056
G	H	Ī	N	3		.3										359	1104
GGA	CAC	ACT	AAC	AGC	ACA	TCA	TGA										1104

Figure 8: Sequence nucléotidique et peptidique du m RNA de la serine acetyltransferase SAT 2 putative chloroplastique d'Arabidopsis thaliana (L78444)

M	A	С	I	N	G	E	N	R	D	F	s	s	s	s	15	
ATG	GCT	TGT	ATA	AAC	GGC	GAG	AAT	CGT	GAT	TTT	TCT	TCC	TCG	TCA		45
S	L	s	s	L	₽	M	I	V	s	R	N	F	S	_A	30	
TCT	TTG	TCT	TCT	CTT	CCA	ATG	ATT	GTC	TCC	CGG	AAC	TTT	TCT	GCC		90
R	D	D	G	E	${f T}$	G	D	E	F	Р	F~	E	R	I	45	
AGA	GAC	GAT	GGA	GAG	ACC	GGT	GAC	GAG	TTT	CCT	TTC	GAG	AGG	ATT		135
F	P	V	Y	A	R	G	T	L	N	Р	V	A	D	Р	60	
TTC	CCG	GTT	TAC	GCT	AGA	GGA	ACC	CTT	AAT	CCC	GTG	GCC	GAC	CCG		180
V	L	L	D	F	T	N	S	S	Y	D	P	I	W	D	75	
GTT	TTG	CTG	GAT	TTT	ACC	AAT	TCT	AGT	TAT	GAC	CCA	ATT	TGG	GAT		225
S	I	R	E	E	A	K	L	E	A	Ε	E	E	P	V	90	
TCT	ATA	AGA	GAA	GAA	GCT	AAG	CTT	GAG	GCA	GAA	GAG	GAG	CCG	GTT		270
L	S	S	F	L	Y	Α	S	Ι	L	S	Н	D	С	L	105	
TTG	AGT	AGC	TTC	TTG	TAT	GCT	AGT	ATC	TTG	TCG	CAT	GAC	TGT	TTA		315
E	Q	Α	L	S	F	V	L	A	N	R	L	Q	N	P	120	
GAG	CAA	GCA	TTG	AGT	TTT	GTT	CTA	GCT	AAC	CGT	CTC	CAA	AAC	CCT		360
T	L	L	A	${f T}$	Q	L	M	D	I	F	С	N	V	М	135	
ACC	TTG	TTG	GCA	ACT	CAG	CTT	ATG	GAT	ATA	TTT	TGC	AAC	GTT	ATG		405
V	H	D	R	G	I	Q	S	S	I	R	L	D	V	Q	150	
GTA	CAT	GAC	AGA	GGT	ATT	CAA	AGC	TCG	ATT	CGT	CTT	GAT	GTT	CAG		450
Α	F	K	D	R	D	P	A	С	L	S	Y	S	S	A	165	
GCA	TTC	AAA	GAC	AGA	GAT	CCT	GCT	TGT	CTA	TCG	TAT	AGT	TCG	GCT		495
I	L	H	L	K	G	Y	L	A	L	Q	A	Y	R	V	180	
ATT	TTA	CAT	CTG	AAG	GGC	TAT	CTT	GCA	CTG	CAG	GCG	TAT	AGA	GTA		540
A	H	K	L	W	K	Q	G	R	K	L	L	A	L	A	195	
GCA	CAT	AAG	TTG	TGG	AAG	CAA	GGA	AGA	AAA	CTA	TTA	GCA	TTG	GCA		585
L	Q	S	R	V	S	E	V	R	${f T}$	A	V	I	G	D	210	
CTG	CAA	AGC	CGA	GTA	AGC	GAG	GTA	AGA	ACT	GCT	GTG	ATA	GGC	GAC		630
R	V	S	I	L	Н	G	V	T	L	G	G	T	G	K	225	
CGT	GTC	TCA	ATT	TTG	CAT	GGT	GTG	ACA	TTA	GGA	GGA	ACT	GGG	AAA		675
Ε	T	G	D	R	H	P	N	I	G	D	G	A	L	L	240	
GAA	ACC	GGT	GAC	CGC	CAT	CCA	AAT	ATA	GGC	GAC	GGT	GCT	CTT	CTT		720
G	A	С	V	T	I	L	G	N	I	K	I	G	Α	G	255	
GGA	GCA	TGT	GTG	ACT	ATA	CTT	GGT	AAC	ATT	AAG	ATA	GGC	GCT	GGA		765
Α	M	V	A	A	G	S	L	V	L	K	D	V	P	S	270	
GCA	ATG	GTA	GCT	GCT	GGT	TCG	CTT	GTG	TTA	AAG	GAT	GTT	CCT	TCG		810
Н	S	M	V	A	G	N	P	A	K	L	I	G	F	V	285	
CAT	AGC	ATG	GTG	GCT	GGA	AAT	CCA	GCA	AAA	CTC	ATC	GGG	TTT	GTT		855
D	Ε	Q	D	P	S	M	T	M	E	Н	G	Ε	S		299	
GAT	GAG	CAA	GAT	CCA	TCT	ATG	ACA	ATG	GAG	CAT	GGT	GAG	TCT	TGA		900

Figure 9: Sequence nucleotidique et en acides aminés du mRNA de la SAT4 putative chloroplastique d'*Arabidopsis thaliana*.



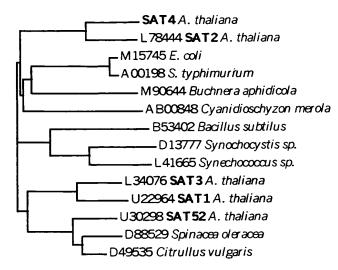


Figure 10 Dendogramme des serine acétyltranferase issues de plusieurs organismes.

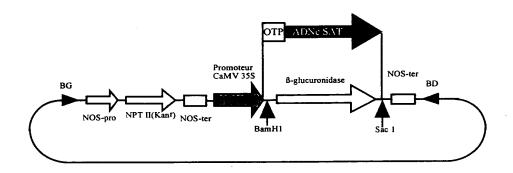


Figure 11: Procédure de clonage de l'OTP/Serine acétyltransférase SAT3 ou SAT (insensible à la cystéine, par exemple SAT1 tronqué) dans le vecteur pBI121.

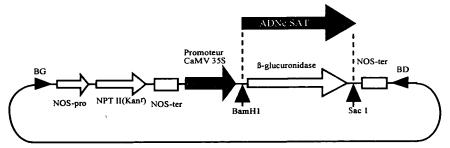


Figure 12: Procédure de clonage de la Serine acétyltransférase SAT1'; SAT1; SAT2; SAT3, SAT3'; SAT4, ou toutes SATs dans le vecteur pBI121.

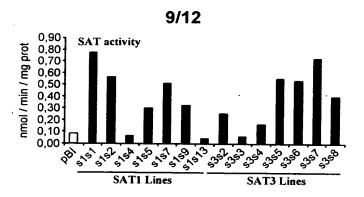


Figure 13

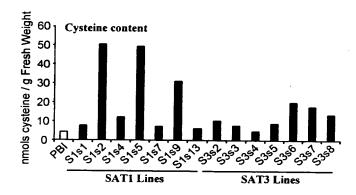


Figure 14

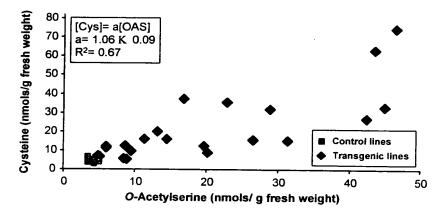


Figure 15



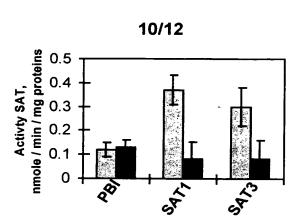


Figure 16

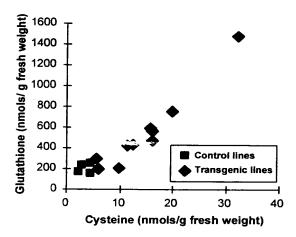


Figure 17

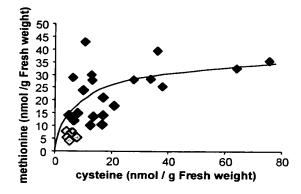


Figure 18

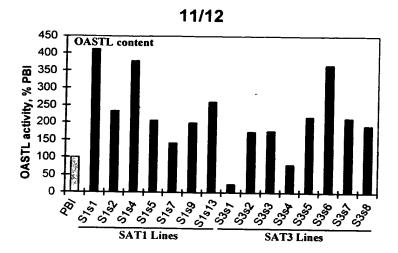


Figure 19

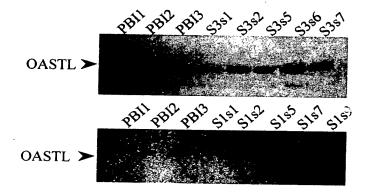


Figure 20

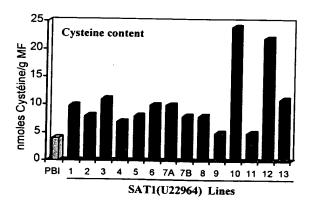


Figure 21



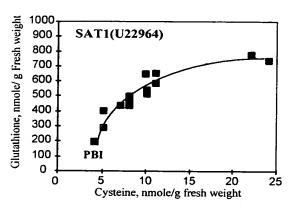


Figure 22